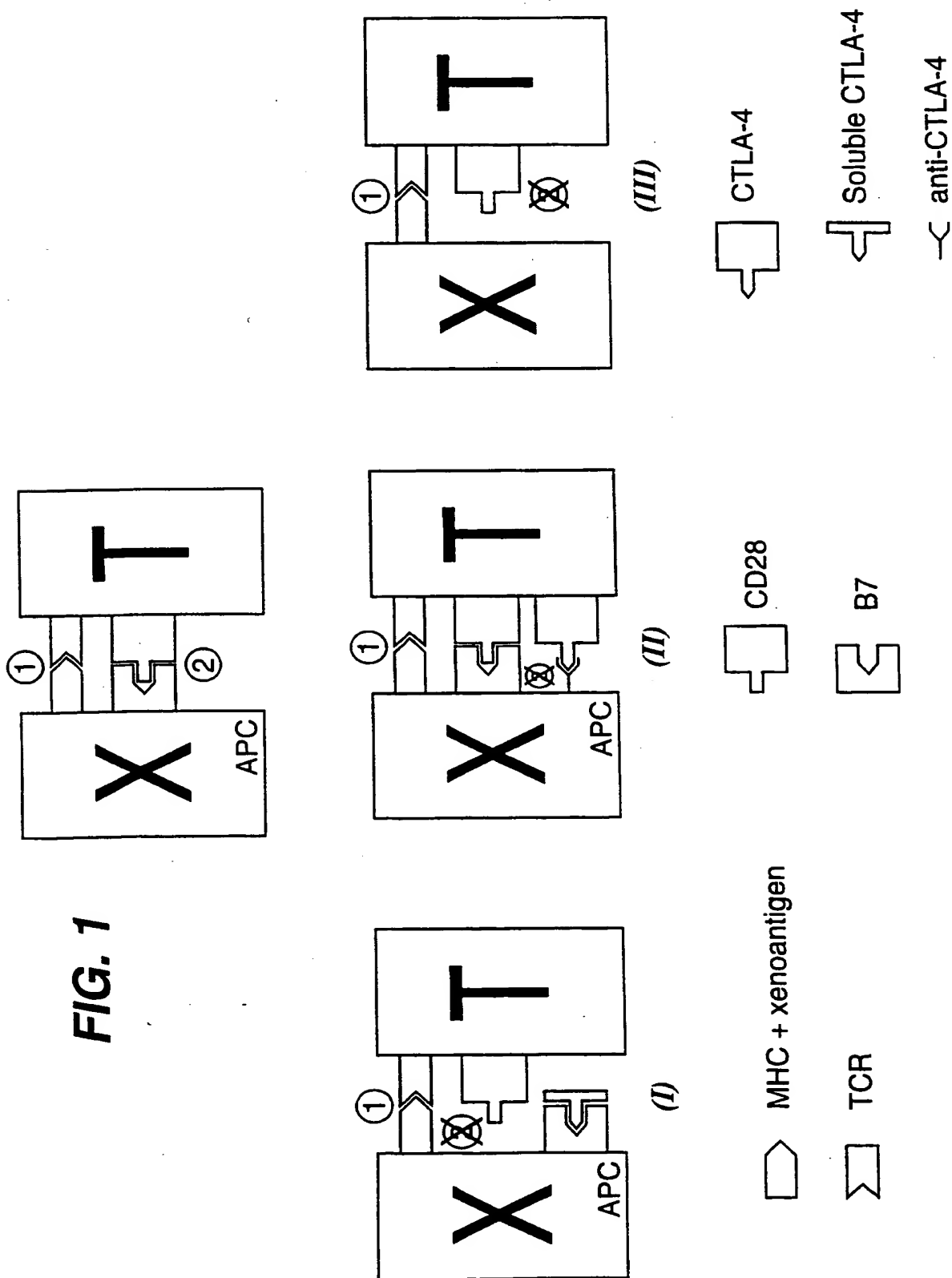


1/18



2/18

FIG. 2

-30	-20	-10	1	11	21
MACSGFRSHG	AWLELTSTRW	PCTALFSLLF	IPVFSKGMHV	AQPAVVLANS	RGVASFVCEY
•••L••QR•K	•Q•N•AA•••	•••L••F•••	•••C•A•••	•••••••S••	••I•••••••
•••••Q•••	T•W•-•••••	•••••F•V••	•••••N•••	T••P••••S••	•••••••S•••
			*		
31	41	51	61	71	81
GSAGKAAEVR	VTVLRRAQSQ	MTEVCAATYT	VEDELTFLDD	STCTGTSTEN	KVNLTIOGLR
A•P•••T•••	•••••Q•D••	V••••••M	MGN••••••	I•••••SG•	Q••••••••
E•S•••D•••	•••••E••••	V•••••G•M	•••••••••	I••••RG•	•••••••••
91	101	111	121	131	141
AVDTGLYICK	VELLYPPPY	VGMNGTQIY	VIDPEPCPDS	DFLLWILAAV	SSGLFFYSFL
•M•••••••	•••MYPPPY	L•I•••A••	•••••••••	•••••••••	•••••••••
•M•••••V••	•••MYPPPY	••I•••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••
			*		
151	161	171	181		
ITAVSLSKML	KKRSPLTTGV	YVKMPPTPEP	CEKQFQPYFI	PIN	SEQ ID:1 (pCTLA4)
L•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••	Human CTLA4
•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••••••••	•••	Cattle CTLA4

*

3/18

FIG. 3

```

1  11  21  31  41  51
   ATGGCTTGCT CTGGATTCCG GAGCCATGGG GCTTGGCTGG AGCTTACTTC TAGGACCTGG
   .....C T.....T•A •C•G••CAA• ••CA••••A •C•GG••G• C••••••••
   .....••••••A ••T••••••A ••••••••••••••••••••••••••••••••••••••
   .....••••••A ••T••••••A ••••••••••••••••••••••••••••••••••••••

61  71  81  91  101  111
   CCCTGTACAG CTCTGTTTTC TCTTCTCTTC ATCCCTGTCT TCTCCAAAGG GATGCACGTG
   .....C•TC TC.....T .....••••••••••••••••••G•••••C A••••••••••
   .....C•T• •C••A••••T .....G••••••••••••••••••T•••••T••••••••••A•T•••
   .....•••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••••

121 131 141 151 161 171
   GCCCAACCTG CAGTAGTGCT GGCCAACAGC CGGGGTGTG CCAGCTTGT GTGTGAGTAT
   .....G••••••T••G••A•• .....G••••••••••••••••••A••CA•C• .....••••••••
   A••••G•••C .....G••••••••••T•G••••••••••••••••••••••••••••CTC A••••••A•••
   § §

181 191 201 211 221 231
   GGGTCTGCAG GCAAAGCTGC CGAGGTCCGG GTGACAGTGC TCGGCGGGGC CCGCAGCCAG
   •CA•••C••• ••••••••CA• T••••••••••••••••••••••••••T•••A••• T•A••••••••
   •A••••T••• ••••••••••A ••••••••••••••••••••••••••••GA••• A••••••••••••

241 251 261 271 281 291
   ATGACTGAAG TCTGTGCCGC GACATATACT GTGGAGGATG AGTTGACCTT CCTTGATGAC
   G•••••••• ••••••••G•• A••C••C•TG A•••G•A•• ••••••••••••••••••A•••••T
   G••••C•••• ••••••••T•G •••C••C•TG •••••••••••••••••••C•A••••••••••G•••••T

301 311 321 331 341 351
   TCTACATGCA CTGGCACCTC CACCGAAAC AAAGTGAACC TCACCATCCA AGGGCTGAGA
   •C•TC•••• •G••••••••••••••GT•G•••T C•••••••••••••••••••T••••••••••A•••••G
   -----

```

4/18

```

361      371      381      391      401      411
GCCGTGACA CTGGGCTCTA CATCTGCAAG GTGGAGCTCC TGTACCCACC ACCCTACTAT
...A... ..G...A... .. .. .. ..G...A... ..C
...A... .. .. .. ..TG... .. .. .. ..G... ..C

421      431      441      451      461      471
GTGGGTATGG GCAACGGGAC CCAGATTAT GTCATTGATC CAGAACCATG CCCAGATTCT
C...C...A... .. .. .. ..AG... .. .. .. ..G... ..
...C...C... ..T...A... .. .. .. .. .. .. ..G... ..

481      491      501      511      521      531
GATTCCTGC TCTGGATCCT GGCAGCAGTT AGTTCAGGGT TGTTTTITA CAGCTTCCTC
...C... .. .. .. ..T... .. .. .. ..G... ..T...
...T... .. .. .. .. .. .. .. .. ..C... ..

541      551      561      571      581      591
ATCACAGCTG TTTCTTTGAG CAAAATGCTA AAGAAAAGAA GTCCTCTTAC TACAGGGGTC
C... .. .. .. .. .. .. .. .. ..C... ..A... ..
... .. .. .. .. .. .. .. .. ..C... .. .. .. ..

601      611      621      631      641      651
TATGTGAAA TGCCCCGAC AGAGCCAGAA TGTGAAAAGC AATTTCAGCC TTATTTTATT
... .. .. .. ..A... .. .. .. .. .. .. .. ..
... .. .. .. ..A... .. .. .. .. .. .. .. ..

661      671
CCCATCAATT GA
... .. ..
... .. ..

```

SEQ ID: 2 (pCTLA4)

Human CTLA4

Cattle CTLA4

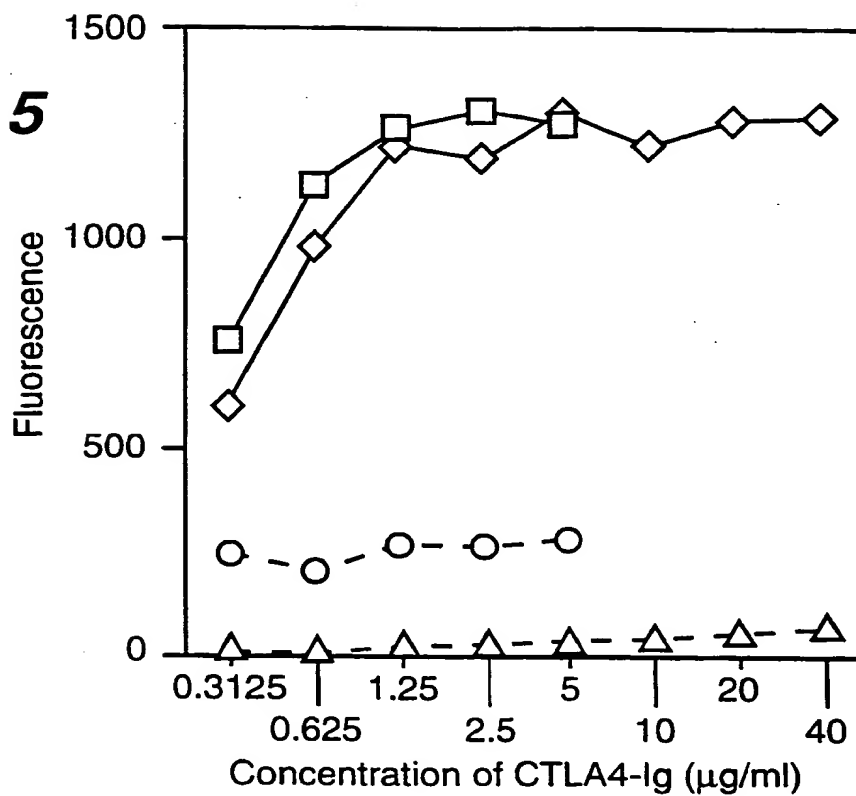
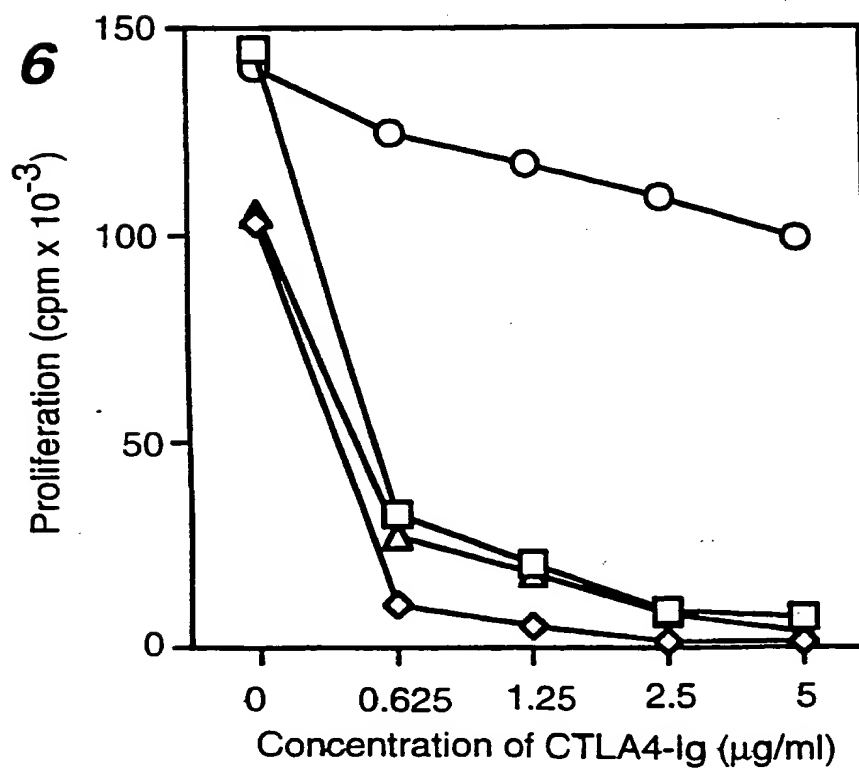
FIG. 3 (CONTD.)

5/18

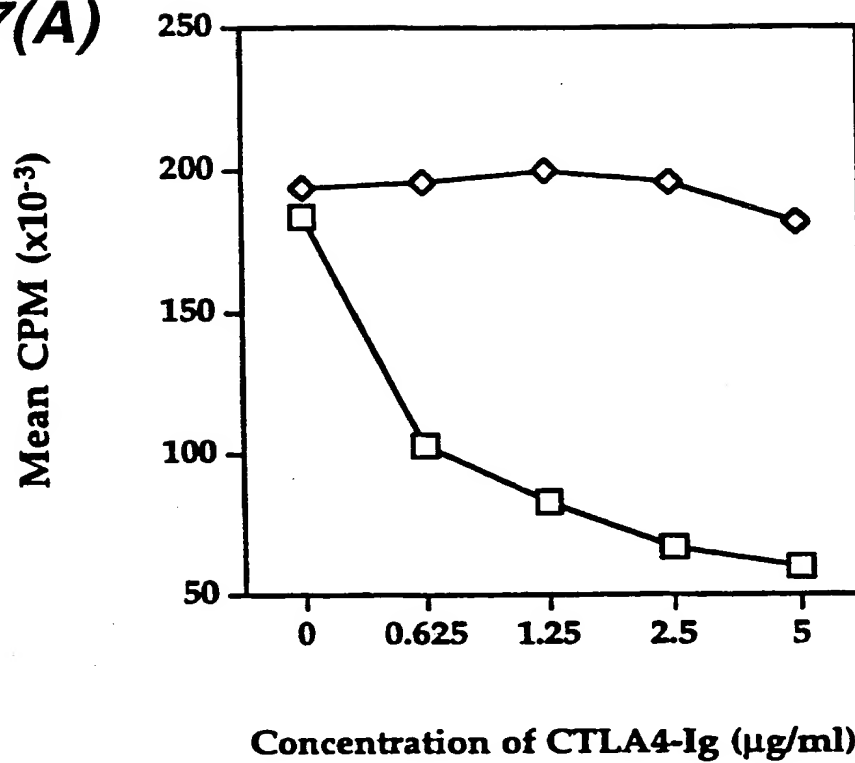
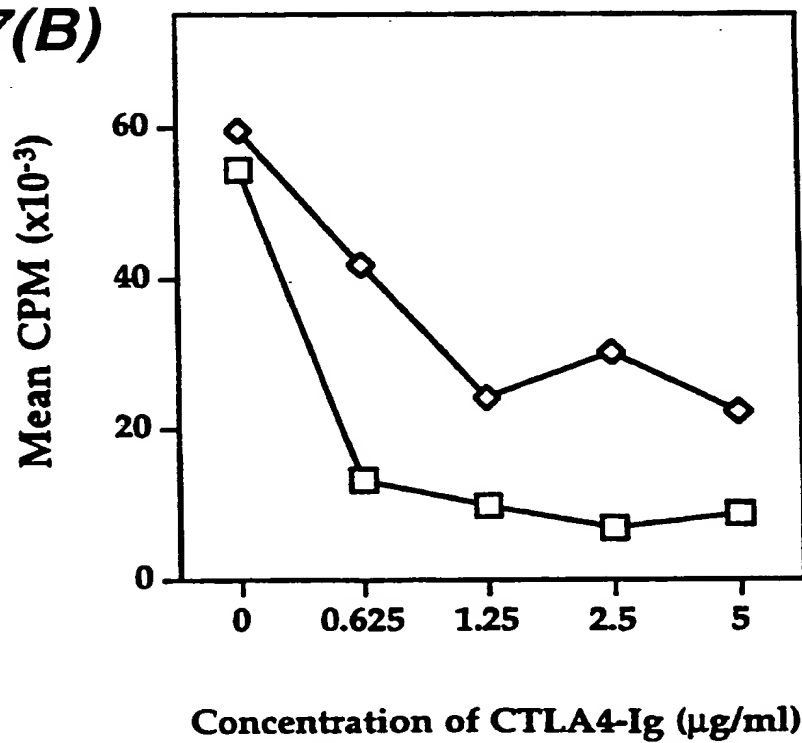
FIG. 4

-30	-20	-10	1	11	21
MACSGFRSHG	AWLELTSRTW	PCTALFSLLF	IPVFSKGMHV	AQPAVVLANS	RGVASFVCEY
31	41	51	61	71	81
GSAGKAAEVR	VTVLRRAGSQ	MTEVCAATYT	VEDELTFLDD	STCTGTSTEN	KVNLTIQGLR
91	101	111	121	131	141
AVDTGLYICK	VELLYPPPY	VGMGNGTQIY	VIDPEPCPDS	DGGSGGAAEP	KSCDKTHTCP
151	161	171	181	191	201
PCPAPELLGG	PSVFLFPPKP	KDTLMIS RTP	EVTCVVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA
211	221	231	241	251	261
KTKPREEQYN	STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	EYCKKVS NKA	LPAPIEKTIS	KAKGQPREPQ
271	281	291	301	311	321
VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	AVEWESNGQP	ENNYKTTPPV	LDSDGSFFLY
331	341	351	361		
SKLTVDKSRW	QQGNVFCSCV	MHEALHNHYT	QKSLSLSPGK		

6/18

FIG. 5**FIG. 6**

7/18

FIG. 7(A)**FIG. 7(B)**

8/18

FIG. 8

```

1..... 11..... 21..... 31..... 41..... 51..... 61..... 71.....
CCGAGGTGCA GCTGGTGGAG TCTGGGGGAG GCTTGGTACA GCCTGGGGGG TCCCTGAGAC TCTCCTGTGC AGCCTCTGGA

81..... 91..... 101..... 111..... 121..... 131..... 141..... 151.....
TTCACCTTTA GCAGCTATGC CATGAGCTGG GTCCGCCAGG CTCACGGGAA GGGGCTGGAG TGGTCTCAG CTATTAGTGG

161..... 171..... 181..... 191..... 201..... 211..... 221..... 231.....
TAGTGGTGGT AGCACATACT ACGCAGACTC CGTGAAGGCG CGGTTACCCA TCTCCAGAGA CAATTCCAAG AACACGCTGT

241..... 251..... 261..... 271..... 281..... 291..... 301..... 311.....
ATCTGCAAT GAACAGCCTG AGAGCCGAGG ACACGGCCGT GTATTACTGT GCAAGAGCTG GTCGTATTTT GTTTGACTAT

321..... 331..... 341..... 351..... 361..... 371..... 381..... 391.....
TGGGGCCAAG GTACCCCTGGT CACCGTCTCG AGTGGTGGAG GCGGTTTCAGG CGGAGGTGGC TCTGGCGGTA GTGCACTTCA

401..... 411..... 421..... 431..... 441..... 451..... 461..... 471.....
GTCTGTGCTG ACTCAGCCAC CCTCAGCGTC TGGGACCCCC GGGCAGAGGG TCACCATCTC TTGTTCTGGA AGCAGCTCCA

481..... 491..... 501..... 511..... 521..... 531..... 541..... 551.....
ACATCGGAAG TAATTATGTA TACTGGTACC AGCAGCTCCC AGGAACGGCC CCCAACTCC TCATCTATAG GAATAATCAG

561..... 571..... 581..... 591..... 601..... 611..... 621..... 631.....
CGGCCCTCAG GGTCCCTGA CCGATTCTCT GGCTCCAAGT CTGGCACCTC AGCCTCCCTG GCCATCAGTG GGCTCCGGTC

641..... 651..... 661..... 671..... 681..... 691..... 701..... 711.....
CGAGGATGAG GCTGATTATT ACTGTGCAGC ATGGGATGAC AGCCTGGTAT TCGGCGGAGG GACCAAGCTG ACCGTCCTAG

721
GT

```

FIG. 9

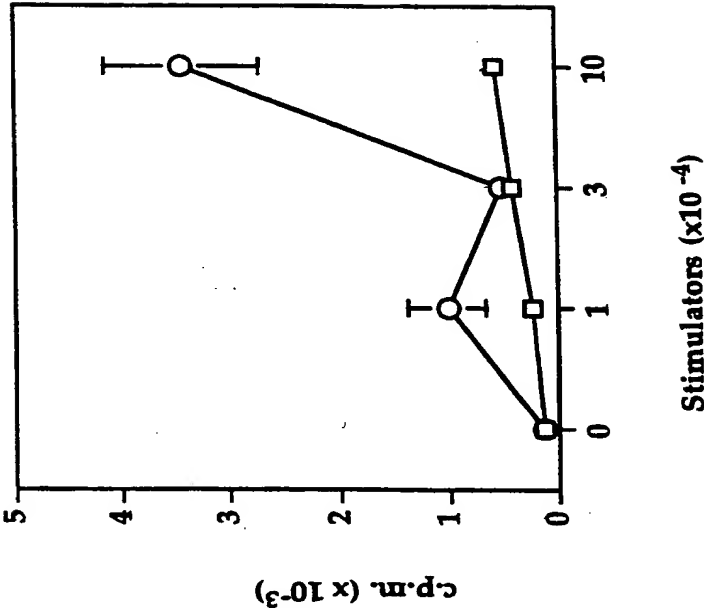
1..... 11..... 21..... 31..... 41..... 51..... 61..... 71.....
EVOLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGETFS SYAMSWVRQA PGKGLEWVSA ISGSGGSTYY ADSVKGRFTI SRDNSKNTLY

81..... 91..... 101..... 111..... 121..... 131..... 141..... 151.....
LQMNSLRAED TAVYYCARAG RILEFDYWGQG TLVTVSSGGG GSGGGSGGS ALQSVLTQPP SASGTPGQRV TISCSGSSSN

161..... 171..... 181..... 191..... 201..... 211..... 221..... 231.....
IGSNYYVYWYQ QLPGTAPKLL IYRNNQRPSG VPDRFSGSKS GTSASLAISG LRSEDEADYY CAWDDDSLVE GGTGKLTVLG

LINKER

FIG. 13



10/18

FIG. 10

	10	20	30	40	50	60	
M1 sFv	CATGG-CCGAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAG						
M3 sFv	CATGG-CCCAGGTGCAGCTGCAGGAGTGGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCCGAGACCCCTGTC						
M19 sFv	CATGG-CCCAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAGTGAA						
M24 sFv	CATGGGGCCAGGTGCAGCTGTTGCAGTCTGCAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGAGTCTCTGAA						
	70	80	90	100	110	120	
M1 sFv	ACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTTAGCAGC--TA--TGCCAT--GAGCTGGGTCCGC						
M3 sFv	CCTCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCGTCAGCAGTGGTAGTTACTACTGGAGCTGGATCCGG						
M19 sFv	GGTTTCCTGCAAGGCATCTGGATACACCTTCACCAGC-----TACTATATGCACTGGGTGCGA						
M24 sFv	GATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGC-----TACTGGATCGGCTGGGTGCCG						
	130	140	150	160	170	180	190
M1 sFv	CAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGTAGCACATACT						
M3 sFv	CAGCCCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATT--GGGTAT-ATCTATTACAGTGGGAGCAACCACT						
M19 sFv	CAGGCCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCCTAGTGGTGGTAGCACAAAGCT						
M24 sFv	CAGATGCCCGGGAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGACTCTGATAACCAGAT						
	200	210	220	230	240	250	
M1 sFv	ACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAGCCTGTATCT						
M3 sFv	ACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCCACATATCAGTAGACAGTCCAAGAACCAGTTCTCCCT						
M19 sFv	ACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCCACATGACCAGGGACAGTCCACGAGCACAGTCTACAT						
M24 sFv	ACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCT						
	260	270	280	290	300	310	320
M1 sFv	GCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAGCTG-----GT						
M3 sFv	GAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAATGC-----GG						
M19 sFv	GGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAGTGGCTCCCTAT						
M24 sFv	GCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGATT--TTGCT-T						
	330	340	350	360	370	380	
M1 sFv	CGTATTTTGTGTTGACTATTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT						
M3 sFv	AAGGATAAGTTTGTGACTATTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT						
M19 sFv	GTGAATACGCTTGTTTTTTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT						
M24 sFv	GGTGGT---TTTGACTATTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT						

11/18

```

          390      400      410      420      430      440
          |        |        |        |        |        |
M1 sFv    CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTCAGTCTGTGCTGACTCAG---CCACCCTCAGC
M3 sFv    CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTCAGTCTGTGCTGACTCAG---CCACCCTCAGC
M19 sFv   CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTTCTTCTGAGCTGACTCAG---GACCCTGCTGT
M24 sFv   CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTGACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCT

          450      460      470      480      490      500      510
          |        |        |        |        |        |        |
M1 sFv    GTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGT
M3 sFv    GTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTTGTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGT
M19 sFv   GTCTGTGGCCTTGGGACAGACAGTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCA-----GAAGC
M24 sFv   GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCC---GGCCAGTCAGGGCATT---AGC

          520      530      540      550      560      570
          |        |        |        |        |        |        |
M1 sFv    AATTATGTATACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACCTCCTCATCTATAGGAATA
M3 sFv    AATTATGTATACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACCTCCTCATCTATAGGAATA
M19 sFv   TATTATGCAAGCTGGTACCAGCAGAAGCCAGGACAGGCCCCCTGTACTTGTTCATCTATGGTAAAA
M24 sFv   AGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACAGGGAAAGCCCCCTAAGCTCCTGGTCTATGCTGCAT

          580      590      600      610      620      630      640
          |        |        |        |        |        |        |
M1 sFv    ATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCT
M3 sFv    ATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCT
M19 sFv   ACAACCGGCCCTCAGGGATCCAGACCGATTCTCTGGCTCCAGCTCAGGAAACACAGCTTCCTT
M24 sFv   CCACCTTGCAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCT

          650      660      670      680      690      700
          |        |        |        |        |        |        |
M1 sFv    GGCCATCAGTGGGCTCOGGTCCGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACAGC
M3 sFv    GGCCATCAGTGGGCTCOGGTCCGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACAGC
M19 sFv   GACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACTGTAACTCCCGGGACAGCAGT
M24 sFv   CACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGAACCTATTACTGTCA---ACAGCTTAATAGT

          710      720      730      740      750
          |        |        |        |        |        |
M1 sFv    --CTG---GTATTGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCTAGGTGC
M3 sFv    --CTGT-TTGTATTGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCTAGGTGCGGCGGC
M19 sFv   GGTTTTACTGTATTGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCTAGGTGC
M24 sFv   TACCGCTTGACGTTGGCCAAGGGACCAAGCTGGAATC--AAACGTG----C

```

FIG. 10 (CONTD.)

12/18

FIG. 11

10 20 30 40 50 60

M1 sFv Peptide --EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG--FTFSSYAMSWRQAPGKLEWWSAISGSGG
M3 sFv Peptide MAQVQLQESGFGFLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGSYYWSWIROPFGKLEWIGYTY-YSG
M19 sFv Peptide --QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCKASG--YTFTSYMHWRQAPGQGLEWMGLINPSGG
M24 sFv peptide --QVQLLQSAAEVKKPGESLKLSCKGSG--YSFTSYWIGWRQMPGKLEWMGLIYPGDS

70 80 90 100 110 120

M1 sFv Peptide STYYADSVKGRFTISRDNKNIYLQMNSLRSEDITAVYYCARAGR--ILFDYWGGGILVT
M3 sFv Peptide SINYNPSLKSRTVTLSDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARMK--DKFDYWGGGILVT
M19 sFv Peptide STSYAQKFQGRVIMTRDTSTSTVYMESSLRSEDITAVYYCARVAPVYNILVFWGGGILVT
M24 sFv peptide DIRYSFSPFQGVITLSADKSLSTAYLQWSSSLKASDTAVYYCARFS--LGGFDYWGGGILVT

130 140 150 160 170 180

M1 sFv Peptide VSSGGGSGGGGSGGSALQSVLTQPPS-ASGTFQQRVTLSGSGSSSNIGSNYVYWYQQLP
M3 sFv Peptide VSSGGGSGGGGSGGSALQSVLTQPPS-ASGTFQQRVTLSGSGSSSNIGSNYVYWYQQLP
M19 sFv Peptide VSSGGGSGGGGSGGSALSSLTQDPA-VSVALGQTVRTTCQGDG--LRSYYASWYQQKP
M24 sFv peptide VSSGGGSGGGGSGGSALDIQLTQSPSFLSASVGLRVTTTCRASQG--ISSYLAWYQQKP

190 200 210 220 230 240

M1 sFv Peptide GTAPKLLTYRNNQRPSPGVDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYYCAAWDDSL--VFG
M3 sFv Peptide GTAPKLLTYRNNQRPSPGVDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYYCAAWDDSLF-VFG
M19 sFv Peptide GQAPVLVIYGNRNPSPGIPDRFSGSSGNVIALITITGAQAEDEADYYCNSRDSSGFTVFG
M24 sFv peptide GKAPKLLVYAASLTQSGVPSRFSGSGGIEFTLTITSSLPQEDFATYYCQQLNSYRLT-FG

.... |

M1 sFv Peptide GGTKLTVLG
M3 sFv Peptide GGTKLTVLGAA
M19 sFv Peptide GGTKLTVLG
M24 sFv peptide QGTLKEI--KR

FIG. 12

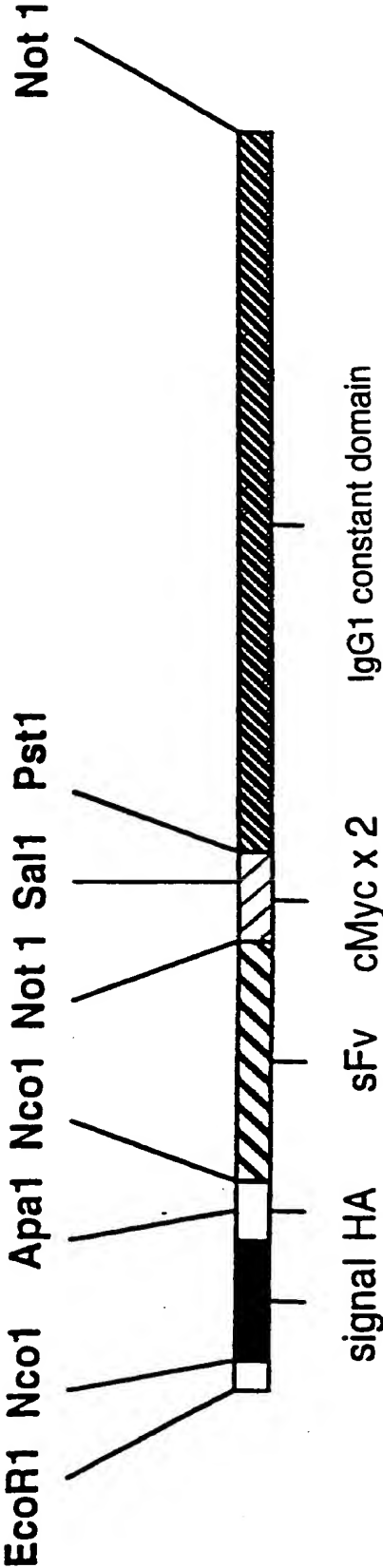
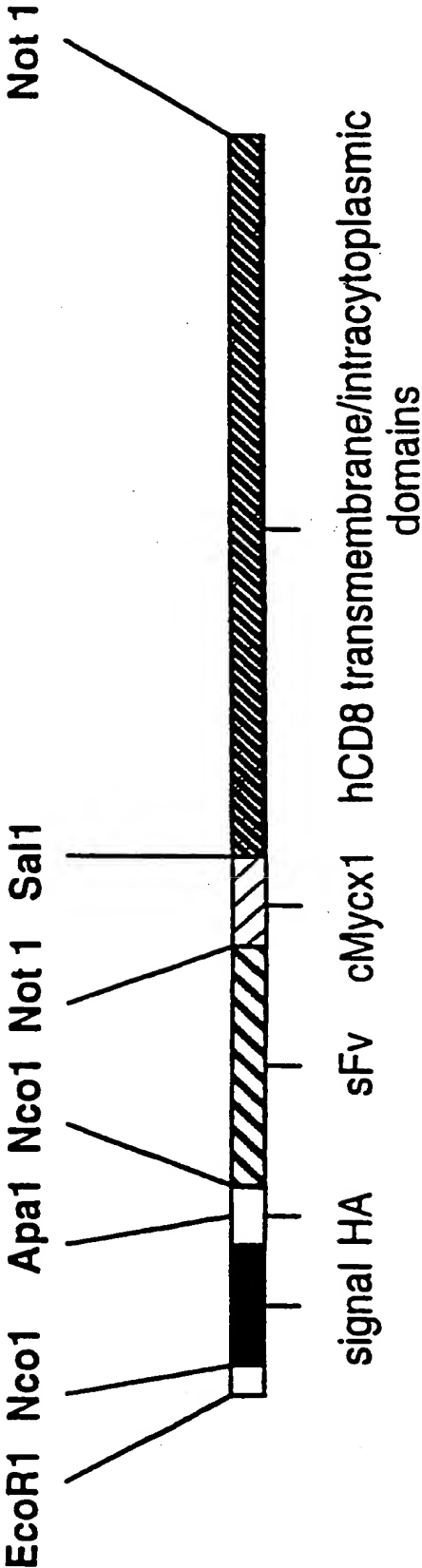


FIG. 14



14/18

FIG. 15(A)

-65 AGCTTCAGGA TCCTGAAAGG TTTTGCTCTA CTCCTGAAG ACCTGAACAC
-15 CGCTCCCAT AAGCCATGGC TTGCCTTGGG TTTCAGCGGC ACAAGGCTCA
36 GCTGAACCTG GCTACCAGGA CCTGGCCCTG CACTCTCCTG TTTTTTCTTC
86 TCTTCATCCC TGTCTTCTGC AAAGCAATGC ACGTGGCCCA GCCTGCTGTG
136 GTACTGGCCA GCAGCCGAGG CATCGCCAGC TTTGTGTGTG AGTATGCATC
186 TCCAGGCAAA GCCACTGAGG TCCGGGTGAC AGTGCTTCGG CAGGCTGACA
236 GCCAGGTGAC TGAAGTCTGT GCGGCAACCT ACATGATGGG GAATGAGTTG
286 ACCTTCCTAG ATGATTCCAT CTGCACGGGC ACCTCCAGTG GAAATCAAGT
336 GAACCTCACT ATCCAAGGAC TGAGGGCCAT GGACACGGGA CTCTACATCT
386 GCAAGGTGGA GCTCATGTAC CCACCGCCAT ACTACCTGGG CATAGGCAAC
436 GGAACCCAGA TTTATGTAAT TGATCCAGAA CCGTGCCCAG ATTCTGACTT
486 CCTCCTCTGG ATCCTTGACAG CAGTTAGTTC GGGGTTGTTT TTTTATAGCT
536 TTCTCCTCAC AGCTGTTTCT TTGAGCAAAA TGCTAAAGAA AAGAAGCCCT
586 CTTACAACAG GGGTCTATGT GAAAATGCCC CCAACAGAGC CAGAATGTGA
636 AAAGCAATT CAGCCTTATT TTATTCCCAT CAATTGAGAA TT

FIG. 15(B)

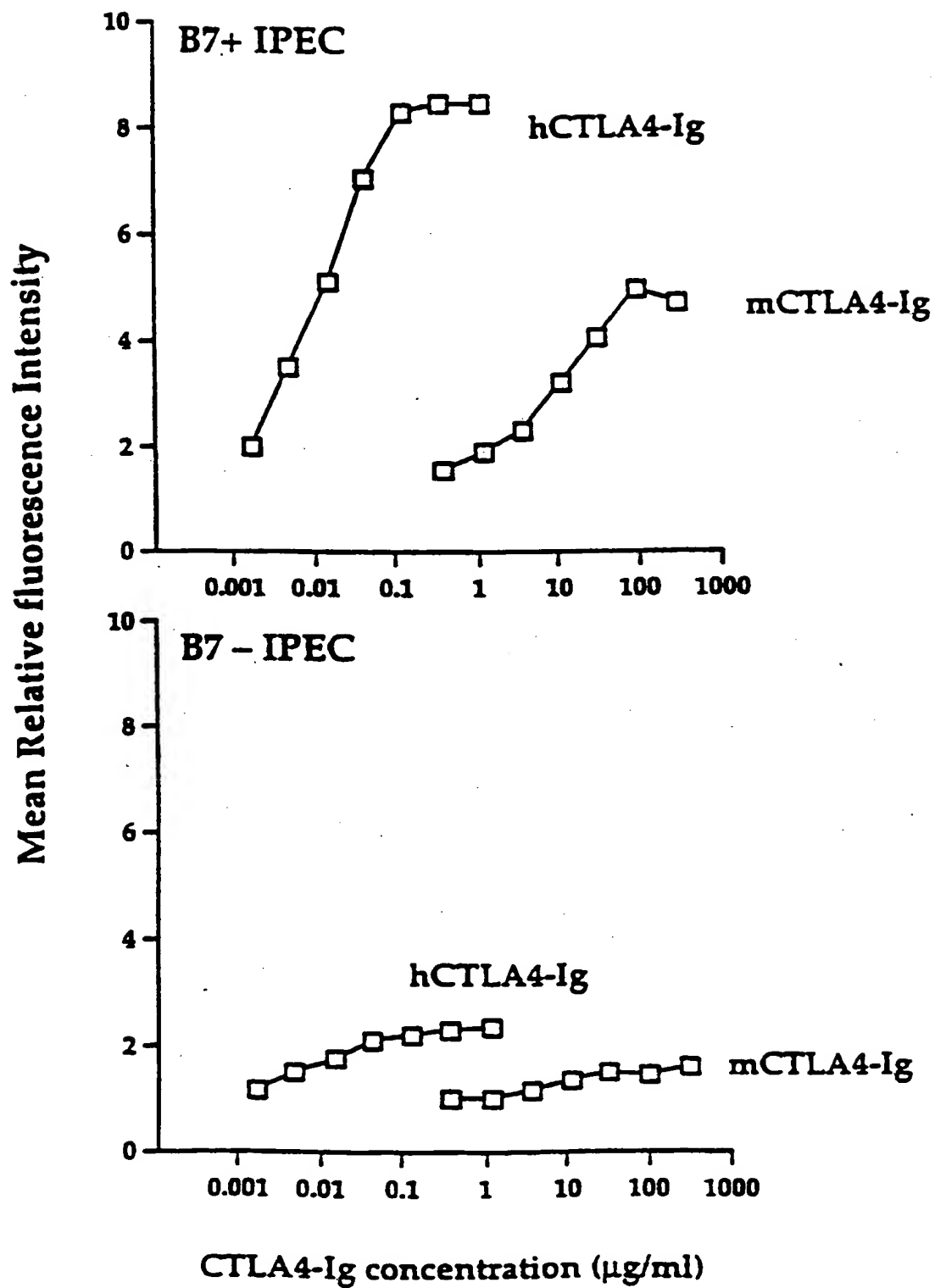
-30 -20 -10 1 11 21
MACLGFORHK AQLNLATRTW PCTLLFFLLF IPVFEKAMHV AQPAAVLASS RGIASFVCEY
*
31 41 51 61 71 81
ASPGKATEVR VTVLRQADSQ VTEVCAATYM MGNELTFLDD SICTGTSSGN QVNLTIQGLR
91 101 111 121 131 141
AMDTGLYICK VELMYPPPY LGIGNGTQIY VIDPEPCPDS DFLLWILAAV SSGLFFYSFL
*
151 161 171 181
LTAVSLSKML KKRSPITTGV YVKMPPEPE CEKQFQPYFI PIN
*

15/18

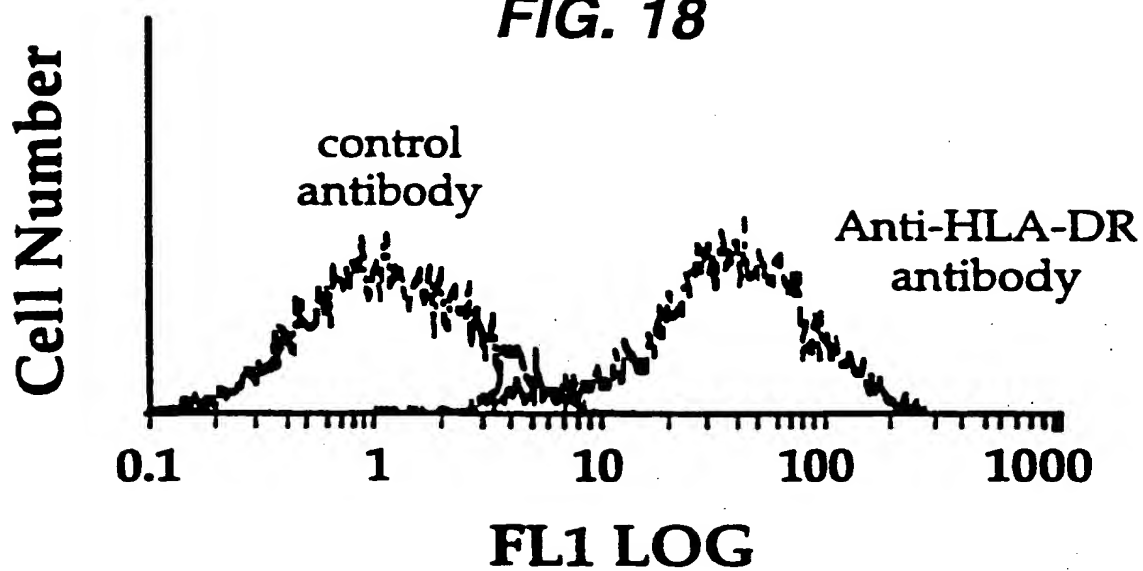
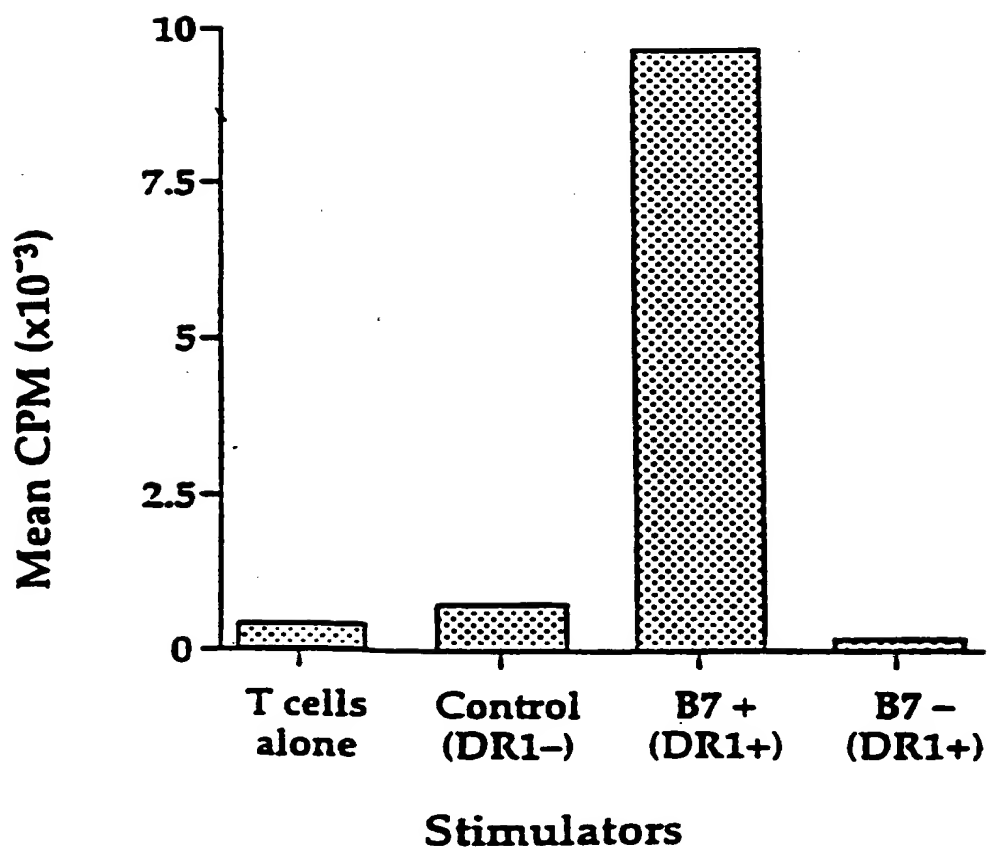
FIG. 16

-36 AAGCTTCGAG CCAAGCAGCG TCCTGGGGAG CGCGTCATGG CCTTACCAGT
15 GACCGCCTTG CTCCTGCCGC TGGCCTTGCT GCTCCACGCC GCCAGGCCGA
65 GCCAGTTCCG GGTGTCGCCG CTGGATCGGA CCTGGAACCT GGGCGAGACA
115 GTGGAGCTGA AGTGCCAGGT GCTGCTGTCC AACCCGACGT CGGGCTGCTC
165 GTGGCTCTTC CAGCCGCGCG GCGCCGCCG CAGTCCCACC TTCCTCCTAT
215 ACCTCTCCCA AAACAATCCC AAGGCGGCCA AGGGGCTGGA CACCCAGCGG
265 TTCTCGGGCA AGAGGTTGGG GGACACCTTC GTCCTCACCC TGAGCGACTT
315 CCGCCGAGAG AACGAGGGCT ACTATTTCTG CTCGGCCCTG AGCAACTCCA
365 TCATGTACTT CAGCCACTTC GTGCCGGTCT TCCTGCCAGC GAAGCCCACC
415 ACGACGCCAG CGCCGCGACC ACTAACACCG GCGCCCACCA TCGCGTCGCA
465 GCCCCTGTCC CTGCGCCCAG AGGCGTGCCG GCCAGCGGCG GGGGGCGCAG
515 TGCACACGAG GGGGCTGGAC TTCGCCTGTG ATATCTACAT CTGGGCGCCC
565 CTGGCCGGGA CTTGTGGGGT CCTTCTCCTG TCACTGGTTA TCACCCTTTA
615 CTGCAACCAC AGGAACCGAA GACGTGTTTG CAAATGTCCC CGGCCTGTGG
665 TCAAATCGGG AGACAAGCCC AGCCTTTCGG CGAGATACGT CTAACCCTGT
715 GCAACAGCCA CTACATGAAT TCC

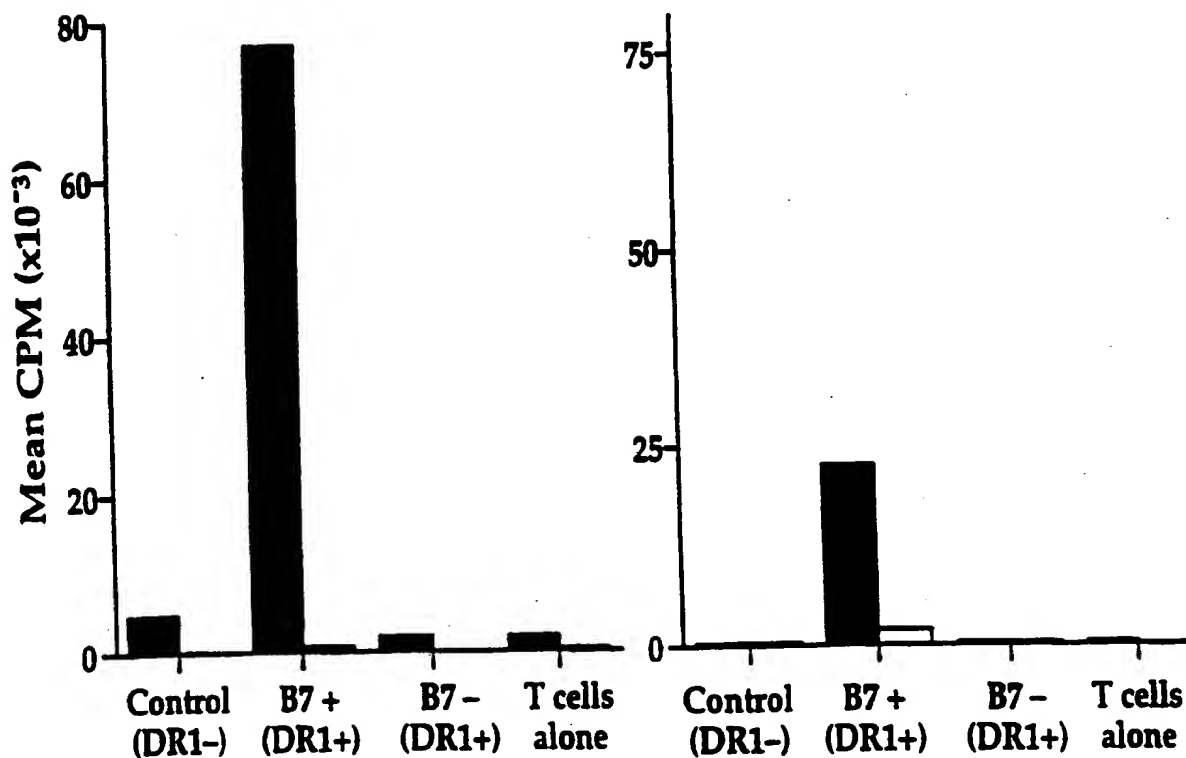
16/18

FIG. 17

17/18

FIG. 18**FIG. 19**

18/18

FIG. 20**FIG. 21**